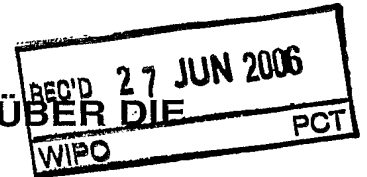



VERTRAG ÜBER DIE INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS

PCT

INTERNATIONALER VORLÄUFIGER BERICHT ÜBER DIE PATENTIERBARKEIT



(Kapitel II des Vertrags über die internationale Zusammenarbeit auf dem Gebiet des Patentwesens)

Aktenzeichen des Anmelders oder Anwalts H 06291 WO	WEITERES VORGEHEN siehe Formblatt PCT/PEA/416	
Internationales Aktenzeichen PCT/EP2005/001543	Internationales Anmeldedatum (Tag/Monat/Jahr) 16.02.2005	Prioritätsdatum (Tag/Monat/Jahr) 19.03.2004
Internationale Patentklassifikation (IPC) oder nationale Klassifikation und IPC INV. C07K14/195		
Anmelder HENKEL KOMMANDITGESELLSCHAFT AUF AKTIEN et al.		
<p>1. Bei diesem Bericht handelt es sich um den internationalen vorläufigen Prüfungsbericht, der von der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde nach Artikel 35 erstellt wurde und dem Anmelder gemäß Artikel 36 übermittelt wird.</p> <p>2. Dieser BERICHT umfaßt insgesamt 5 Blätter einschließlich dieses Deckblatts.</p> <p>3. Außerdem liegen dem Bericht ANLAGEN bei; diese umfassen</p> <p>a. <input checked="" type="checkbox"/> (an den Anmelder und das Internationale Büro gesandt) insgesamt 7 Blätter; dabei handelt es sich um</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Blätter mit der Beschreibung, Ansprüchen und/oder Zeichnungen, die geändert wurden und diesem Bericht zugrunde liegen, und/oder Blätter mit Berichtigungen, denen die Behörde zugestimmt hat (siehe Regel 70.16 und Abschnitt 607 der Verwaltungsvorschriften).</p> <p><input type="checkbox"/> Blätter, die frühere Blätter ersetzen, die aber aus den in Feld Nr. 1, Punkt 4 und im Zusatzfeld angegebenen Gründen nach Auffassung der Behörde eine Änderung enthalten, die über den Offenbarungsgehalt der internationalen Anmeldung in der ursprünglich eingereichten Fassung hinausgeht.</p> <p>b. <input type="checkbox"/> (nur an das Internationale Büro gesandt) insgesamt (bitte Art und Anzahl der/des elektronischen Datenträger(s) angeben), der/die ein Sequenzprotokoll und/oder die dazugehörigen Tabellen enthält/enthalten, nur in elektronischer Form, wie im Zusatzfeld betreffend das Sequenzprotokoll angegeben (siehe Abschnitt 802 der Verwaltungsvorschriften).</p>		
<p>4. Dieser Bericht enthält Angaben zu folgenden Punkten:</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Feld Nr. I Grundlage des Berichts</p> <p><input type="checkbox"/> Feld Nr. II Priorität</p> <p><input type="checkbox"/> Feld Nr. III Keine Erstellung eines Gutachtens über Neuheit, erfinderische Tätigkeit und gewerbliche Anwendbarkeit</p> <p><input type="checkbox"/> Feld Nr. IV Mangelnde Einheitlichkeit der Erfindung</p> <p><input checked="" type="checkbox"/> Feld Nr. V Begründete Feststellung nach Artikel 35(2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung</p> <p><input type="checkbox"/> Feld Nr. VI Bestimmte angeführte Unterlagen</p> <p><input type="checkbox"/> Feld Nr. VII Bestimmte Mängel der internationalen Anmeldung</p> <p><input type="checkbox"/> Feld Nr. VIII Bestimmte Bemerkungen zur internationalen Anmeldung</p>		
Datum der Einreichung des Antrags 08.09.2005	Datum der Fertigstellung dieses Berichts 26.06.2006	
Name und Postanschrift der mit der internationalen vorläufigen Prüfung beauftragten Behörde  Europäisches Patentamt D-80298 München Tel. +49 89 2399 - 0 Tx: 523656 epmu d Fax: +49 89 2399 - 4465	Bevollmächtigter Bediensteter Stoyanov, B Tel. +49 89 2399-7726	



Feld Nr. I Grundlage des Berichts

1. Hinsichtlich der **Sprache** beruht der Bescheid auf

- ☒ der internationalen Anmeldung in der Sprache, in der sie eingereicht wurde.
- ☐ einer Übersetzung der internationalen Anmeldung in die folgende Sprache, bei der es sich um die Sprache der Übersetzung handelt, die für folgenden Zweck eingereicht worden ist:
 - ☐ internationale Recherche (nach Regeln 12.3 a) und 23.1 b))
 - ☐ Veröffentlichung der internationalen Anmeldung (nach Regel 12.4 a))
 - ☐ internationale vorläufige Prüfung (nach Regeln 55.2 a) und/oder 55.3 a))

2. Hinsichtlich der **Bestandteile*** der internationalen Anmeldung beruht der Bericht auf *(Ersatzblätter, die dem Anmeldeamt auf eine Aufforderung nach Artikel 14 hin vorgelegt wurden, gelten im Rahmen dieses Berichts als "ursprünglich eingereicht" und sind ihm nicht beigelegt)*:

Beschreibung, Seiten

1-46 in der ursprünglich eingereichten Fassung

Ansprüche, Nr.

1-47 eingegangen am 14.09.2005 mit Schreiben vom 06.09.2005

Zeichnungen, Blätter

1/10-10/10 in der ursprünglich eingereichten Fassung

- ☒ einem Sequenzprotokoll und/oder etwaigen dazugehörigen Tabellen - siehe Zusatzfeld betreffend das Sequenzprotokoll

3. ☐ Aufgrund der Änderungen sind folgende Unterlagen fortgefallen:

- ☐ Beschreibung: Seite
- ☐ Ansprüche: Nr.
- ☐ Zeichnungen: Blatt/Abb.
- ☐ Sequenzprotokoll (*genaue Angaben*):
- ☐ etwaige zum Sequenzprotokoll gehörende Tabellen (*genaue Angaben*):

4. ☐ Dieser Bericht ist ohne Berücksichtigung (von einigen) der diesem Bericht beigelegten und nachstehend aufgelisteten Änderungen erstellt worden, da diese aus den im Zusatzfeld angegebenen Gründen nach Auffassung der Behörde über den Offenbarungsgehalt in der ursprünglich eingereichten Fassung hinausgehen (Regel 70.2 c)).

- ☐ Beschreibung: Seite
- ☐ Ansprüche: Nr.
- ☐ Zeichnungen: Blatt/Abb.
- ☐ Sequenzprotokoll (*genaue Angaben*):
- ☐ etwaige zum Sequenzprotokoll gehörende Tabellen (*genaue Angaben*):

* Wenn Punkt 4 zutrifft, können einige oder alle dieser Blätter mit der Bemerkung "ersetzt" versehen werden.

Feld Nr. V Begründete Feststellung nach Artikel 35 (2) hinsichtlich der Neuheit, der erfinderischen Tätigkeit und der gewerblichen Anwendbarkeit; Unterlagen und Erklärungen zur Stützung dieser Feststellung

1. Feststellung

Neuheit (N)	Ja: Ansprüche 1-37, 39-42, 44-47
	Nein: Ansprüche 38, 43
Erfinderische Tätigkeit (IS)	Ja: Ansprüche 1-37, 39-42, 44-47
	Nein: Ansprüche 38, 43
Gewerbliche Anwendbarkeit (IA)	Ja: Ansprüche: 1-47
	Nein: Ansprüche: -

2. Unterlagen und Erklärungen (Regel 70.7):

siehe Beiblatt

Zusatzfeld betreffend das Sequenzprotokoll

Fortsetzung von Feld Nr. I, Punkt 2:

1. Hinsichtlich der Nucleotid- und/oder Aminosäuresequenz, die in der internationalen Anmeldung offenbart wurde und für die beanspruchte Erfindung erforderlich ist, ist der Bericht auf folgender Grundlage erstellt worden:

a. Art des Materials

- ☒ Sequenzprotokoll
- ☐ Tabelle(n) zum Sequenzprotokoll

b. Form des Materials

- ☒ in Papierform
- ☒ in elektronischer Form

c. Zeitpunkt der Einreichung

- ☒ in der eingereichten internationalen Anmeldung enthalten
- ☒ zusammen mit der internationalen Anmeldung in elektronischer Form eingereicht
- ☐ bei der Behörde nachträglich für die Zwecke der Recherche und/oder Prüfung eingereicht
- ☐ bei der Behörde als Änderung* eingegangen am

2. ☐ Wurden mehr als eine Version oder Kopie eines Sequenzprotokolls und/oder einer dazugehörigen Tabelle eingereicht, so sind zusätzlich die erforderlichen Erklärungen, daß die Information in den nachgereichten oder zusätzlichen Kopien mit der Information in der Anmeldung in der eingereichten Fassung übereinstimmt bzw. nicht über sie hinausgeht, vorgelegt worden.

3. Zusätzliche Bemerkungen:

* Wenn Feld Nr. I, Punkt 4 zutrifft, können das Protokoll und/oder die zugehörige(n) Tabelle(n), die Teil der Grundlage des Berichts sind, mit der Bemerkung "ersetzt" versehen werden.

Es wird auf die folgenden Dokumente verwiesen:

- D1: WO 02/29113 A (NOVOZYMES BIOTECH, INC; NOVOZYMES A/S) 11. April 2002 (2002-04-11)
- D2: KUNST F ET AL: "THE COMPLETE GENOME SEQUENCE OF THE GRAM-POSITIVE BACTERIUM BACILLUS SUBTILIS" NATURE, MACMILLAN JOURNALS LTD. LONDON, GB, Bd. 390, 1997, Seiten 249-256, XP000919353 ISSN: 0028-0836

Zu Punkt V

1. Der Gegenstand der vorliegenden Ansprüche 1-37, 39-42, 44-47 kann als neu und erfinderisch gegenüber der zu Verfügung stehende Stand der Technik betrachtet werden.
2. Jedoch sind die vorliegende Ansprüche 38 und 43 nicht neu. Diese Ansprüche beziehen sich auf eine unbestimmte Nukleinsäure die nur als eine "Teilsequenz" von einer bestimmten "Teilsequenz" definiert ist. Solche Nukleinsäuren sind so **unklar definiert**, daß sie nicht neu sein können. Dem entsprechend erfüllen Ansprüche 38 und 43 nicht die Erfordernisse des Artikels 33(2)(3) PCT.
3. Ansprüche müssen für sich genommen bereits klar sein. Dies ist im vorliegenden Fall nicht gegeben:

Der Ausdruck "...homologen Genen/homologes Gen" in den Ansprüchen 14, 16, 21 und 23 führt zu Unklarheit, da nicht klar gestellt ist wie hoch und über welchen Bereich diese Homologie sein sollte. Dementsprechend erfüllen die Ansprüche 14, 16, 21 und 23 (und damit auch alle davon abhängigen Ansprüche) nicht die Erfordernisse des Artikels 6 PCT.

Ersatzseiten 47

EPO - DG 1
14. 09. 2005

Patentansprüche

(40)

1. Faktor RecA mit einer Aminosäuresequenz, die zu der in SEQ ID NO. 2 angegebenen Aminosäuresequenz mindestens zu 96% identisch ist.
2. Faktor nach Anspruch 1 mit einer Aminosäuresequenz, die zu der in SEQ ID NO. 2 angegebenen Aminosäuresequenz zunehmend bevorzugt mindestens zu 96,5%, 97%, 97,5%, 98%, 98,5%, 99%, 99,5% und ganz besonders bevorzugt zu 100% identisch ist.
3. Faktor RecA, codiert von einer Nukleinsäure, deren Nukleotidsequenz zu der in SEQ ID NO. 1 angegebenen Nukleotidsequenz mindestens zu 85% identisch ist.
4. Faktor nach Anspruch 3, codiert von einer Nukleinsäure, deren Nukleotidsequenz zu der in SEQ ID NO. 1 angegebenen Nukleotidsequenz zunehmend bevorzugt mindestens zu 87,5%, 90%, 92,5%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% und ganz besonders bevorzugt zu 100% identisch ist.
5. Für einen Faktor RecA codierende Nukleinsäure, deren Nukleotidsequenz zu der in SEQ ID NO. 1 angegebenen Nukleotidsequenz mindestens zu 85% identisch ist.
6. Nukleinsäure nach Anspruch 5, deren Nukleotidsequenz zu der in SEQ ID NO. 1 angegebenen Nukleotidsequenz zunehmend bevorzugt mindestens zu 87,5%, 90%, 92,5%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% und ganz besonders bevorzugt zu 100% identisch ist.
7. Nukleinsäure nach Anspruch 5 oder 6, codierend für einen Faktor RecA nach einem der Ansprüche 1 bis 4.
8. Verwendung einer für einen Faktor RecA codierenden Nukleinsäure zur funktionellen Inaktivierung des Gens *recA* in einem grampositiven Bakterium, welches nicht *Bacillus megaterium* ist.

Ersatzseiten 48

9. Verwendung nach Anspruch 8, wobei eine für ein nichtaktives Protein codierende Nukleinsäure mit einer Punktmutation eingesetzt wird.
10. Verwendung nach Anspruch 8, wobei eine Nukleinsäure mit einer Deletions- oder Insertionsmutation eingesetzt wird, vorzugsweise umfassend die jeweils mindestens 70 bis 150 Nukleinsäurepositionen umfassenden Randsequenzen des für das Protein codierenden Bereichs.
11. Verwendung nach Anspruch 8, wobei Nukleinsäuren mit insgesamt zwei Nukleinsäureabschnitten eingesetzt werden, die jeweils mindestens 70 bis 150 Nukleinsäurepositionen umfassen und damit den für das Protein codierenden Bereich zumindest teilweise, vorzugsweise vollständig flankieren.
12. Verwendung nach einem der Ansprüche 8 bis 11, wobei es sich um eine Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 5 bis 7 und/oder um eine Nukleinsäure handelt, deren Nukleotidsequenz zu der in SEQ ID NO. 31 angegebenen Nukleotidsequenz in den Positionen 369 bis 1415 zu mindestens 1045, vorzugsweise mindestens 1046, ganz besonders bevorzugt 1047 dieser 1047 Positionen übereinstimmt, beziehungsweise um die zumindest teilweise nichtcodierenden flankierenden Bereiche zu diesen Nukleinsäuren.
13. Verwendung nach einem der Ansprüche 8 bis 12, wobei das grampositive Bakterium, vorzugsweise eines der Gattungen *Clostridium* oder *Bacillus*, natürlicherweise zur Sporulation befähigt ist und gleichzeitig mit *recA* ein Gen aus der Phase IV der Sporulation funktionell inaktiviert wird.
14. Verwendung nach Anspruch 13, wobei es sich bei dem inaktivierten Gen aus der Phase IV der Sporulation in der Nomenklatur von *B. subtilis* um eines der Gene *spoIVA*, *spoIVB*, *spoIVCA*, *spoIVCB*, *spoIVFA*, *spoIVFB* oder *yqfD* beziehungsweise um ein hierzu homologes Gen handelt, vorzugsweise im Fall von *B. subtilis* um das Gen *yqfD*, im Fall von *Bacillus licheniformis* um das Gen *spoIV* und in jedem anderen Fall um ein hierzu homologes Gen.

Ersatzseiten 49

15. Verwendung nach Anspruch 13 oder 14, wobei genau ein Gen aus der Phase IV der Sporulation funktionell inaktiviert wird.
16. Verwendung nach Anspruch 14 oder 15, wobei die funktionelle Inaktivierung der Gene *spoIVA*, *spoIVB*, *spoIVCA*, *spoIVCB*, *spoIVFA*, *spoIVFB*, *yqfD* oder *spoIV* beziehungsweise den hierzu jeweils homologen Genen mithilfe der Sequenzen SEQ ID NO. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, oder 17 oder Teilen davon erfolgt, vorzugsweise mithilfe von Teilen, die mindestens 70 bis 150 zusammenhängende Nukleinsäurepositionen umfassen, besonders bevorzugt mithilfe von zwei solchen Teilen, die einen dazwischenliegenden Teil des Gens umschließen.
17. Grampositives Bakterium, welches nicht *Bacillus megaterium* ist, bei dem das Gen *recA* funktionell inaktiviert ist.
18. Grampositives Bakterium nach Anspruch 17, wobei die funktionelle Inaktivierung über Punktmutagenese, teilweise Deletion oder Insertion oder vollständige Deletion des für das vollständige Protein codierenden Bereichs erfolgt ist.
19. Grampositives Bakterium nach Anspruch 17 oder 18, wobei die funktionelle Inaktivierung über eine Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 5 bis 7 und/oder über eine Nukleinsäure erfolgt ist, deren Nukleotidsequenz zu der in SEQ ID NO. 31 angegebenen Nukleotidsequenz in den Positionen 369 bis 1415 zu mindestens 1045, vorzugsweise mindestens 1046, ganz besonders bevorzugt 1047 dieser 1047 Positionen übereinstimmt, beziehungsweise über die zumindest teilweise nichtcodierenden flankierenden Bereiche zu diesen Nukleinsäuren.
20. Grampositives Bakterium nach einem der Ansprüche 17 bis 19, vorzugsweise eines der Gattungen *Clostridium* oder *Bacillus*, das natürlicherweise zur Sporulation befähigt ist und bei dem gleichzeitig mit *recA* ein Gen aus der Phase IV der Sporulation funktionell inaktiviert ist.
21. Grampositives Bakterium nach Anspruch 20, wobei es sich bei dem inaktivierten Gen aus der Phase IV der Sporulation in der Nomenklatur von *B. subtilis* um eines der Gene *spoIVA*, *spoIVB*, *spoIVCA*, *spoIVCB*, *spoIVFA*, *spoIVFB* oder *yqfD*

Ersatzseiten 50

beziehungsweise um ein hierzu homologes Gen handelt, vorzugsweise im Fall von *B. subtilis* um das Gen *yqfD*, im Fall von *Bacillus licheniformis* um das Gen *spoIV* und in jedem anderen Fall um ein hierzu homologes Gen.

22. Grampositives Bakterium nach Anspruch 20 oder 21, wobei genau ein Gen aus der Phase IV der Sporulation funktionell inaktiviert ist.
23. Grampositives Bakterium nach Anspruch 21 oder 22, wobei die funktionelle Inaktivierung der Gene *spoIVA*, *spoIVB*, *spoIVCA*, *spoIVCB*, *spoIVFA*, *spoIVFB*, *yqfD* oder *spoIV* beziehungsweise den hierzu jeweils homologen Genen mithilfe der Sequenzen SEQ ID NO. 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, oder 17 oder Teilen davon erfolgt ist, vorzugsweise mithilfe von Teilen, die mindestens 70 bis 150 zusammenhängende Nukleinsäurepositionen umfassen, besonders bevorzugt mithilfe von zwei solchen Teilen, die einen dazwischenliegenden Teil des Gens umschließen.
24. Grampositives Bakterium nach einem der Ansprüche 17 bis 23, wobei es sich um eines der Gattungen *Clostridium* oder *Bacillus* handelt, insbesondere um eines der Spezies *Bacillus subtilis*, *B. licheniformis*, *B. amyloliquefaciens*, *B. stearothermophilus*, *B. globigii*, *B. clausii* oder *B. lentus*, und ganz besonders um einen Stamm von *B. licheniformis*.
25. Verfahren zur Fermentation eines grampositiven Bakteriums nach einem der Ansprüche 17 bis 24.
26. Verfahren nach Anspruch 25 zur Herstellung eines Wertstoffs, insbesondere einer niedermolekularen Verbindung oder eines Proteins.
27. Verfahren nach Anspruch 26, wobei es sich bei der niedermolekularen Verbindung um einen Naturstoff, einen Nahrungsmittelergänzungstoff oder um eine pharmazeutisch relevante Verbindung handelt.

Ersatzseiten 51

28. Verfahren nach Anspruch 26, wobei es sich bei dem Protein um ein Enzym handelt, insbesondere eines aus der Gruppe der α -Amylasen, Proteasen, Cellulasen, Lipasen, Oxidoreduktasen, Peroxidasen, Laccasen, Oxidasen und Hemicellulasen.
29. Verwendung des Faktors RecA nach einem der Ansprüche 1 bis 4 und/oder eines RecA, welches mit der in SEQ ID NO. 32 angegebenen Aminosäuresequenz in mindestens 347, vorzugsweise 348 der dort gezeigten 348 Aminosäurepositionen übereinstimmt, in einem molekularbiologischen Reaktionsansatz.
30. Verwendung nach Anspruch 29 zum Stabilisieren einzelsträngiger DNA, insbesondere bei einer DNA-Polymerisation, bei *in vitro* erfolgenden Rekombinationsvorgängen, oder zum Überführen doppelsträngiger DNA in einzelsträngige DNA oder umgekehrt.
31. Vektor, enthaltend eine Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 5 bis 7.
32. Vektor nach Anspruch 31, wobei es sich um einen Expressionsvektor handelt.
33. Verfahren zur Herstellung eines Faktors RecA nach einem der Ansprüche 1 bis 4.
34. Verfahren nach Anspruch 33, unter Einsatz einer Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 5 bis 7, vorzugsweise eines Expressionsvektors nach Anspruch 32, weiter bevorzugt durch Fermentation eines diese Nukleinsäure beziehungsweise diesen Expressionsvektor enthaltenden Wirts.
35. Verwendung der für einen Faktor RecA nach einem der Ansprüche 1 bis 4 codierenden Nukleinsäure zur Expression dieses Faktors.
36. Verwendung nach Anspruch 35, um diesen Faktor selbst herzustellen, insbesondere in einem Verfahren nach Anspruch 34, oder um molekularbiologische Aktivitäten der betreffenden Zellen zu modulieren, insbesondere bei *in vivo* erfolgenden Rekombinationsvorgängen.

Ersatzseiten 52

37. Verwendung der für einen Faktor RecA codierenden Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 5 bis 7 und/oder einer für einen Faktor RecA codierenden Nukleinsäure, deren Nukleotidsequenz zu der in SEQ ID NO. 31 angegebenen Nukleotidsequenz in den Positionen 369 bis 1415 zu mindestens 1045, vorzugsweise mindestens 1046, besonders bevorzugt 1047 dieser 1047 Positionen übereinstimmt, zur Inaktivierung dieses Faktors oder des Gens *recA* in einem *In-vitro*-Ansatz, insbesondere über Wechselwirkung mit einer zugehörigen Nukleinsäure.
38. Eine für eine Teilsequenz von *recA* codierende oder für eine mit *recA in vivo* benachbarte Teilsequenz, vorzugsweise weniger als 1.000 bp, besonders bevorzugt weniger als 500 bp entfernt liegende Nukleinsäure gemäß einer der SEQ ID NO. 25 bis 29.
39. Verwendung mindestens einer, vorzugsweise von mindestens zwei einander entgegenorientierten Nukleinsäuren gemäß SEQ ID NO. 25 bis 30 zur Amplifizierung eines *in vivo* davon umschlossenen DNA-Bereichs.
40. Verwendung nach Anspruch 39 zur Amplifizierung eines *recA*-Gens.
41. Verwendung nach Anspruch 39 oder 40 im Rahmen eines Verfahrens nach einem der Ansprüche 8 bis 16.
42. Verwendung nach einem der Ansprüche 39 bis 41 zur Erzeugung eines grampositiven Bakteriums nach einem der Ansprüche 17 bis 24.
43. Eine für eine Teilsequenz von *spoIV* codierende oder für eine mit *spoIV in vivo* benachbarte Teilsequenz, vorzugsweise weniger als 1.000 bp, besonders bevorzugt weniger als 500 bp entfernt liegende Nukleinsäure gemäß einer der SEQ ID NO. 22 bis 24.
44. Verwendung mindestens einer, vorzugsweise von mindestens zwei einander entgegenorientierten Nukleinsäuren gemäß SEQ ID NO. 25 bis 30 zur Amplifizierung eines *in vivo* davon umschlossenen DNA-Bereichs.

Ersatzseiten 53

45. Verwendung nach Anspruch 44 zur Amplifizierung eines *spo/V*-Gens.
46. Verwendung nach Anspruch 44 oder 45 im Rahmen eines Verfahrens nach einem der Ansprüche 13 bis 16.
47. Verwendung nach einem der Ansprüche 44 bis 46 zur Erzeugung eines grampositiven Bakteriums nach einem der Ansprüche 20 bis 24.